

2001-151128/16 B04 D16 HERI- 1999.04.14
HERIKKUSU KENKYUSHO KK *JP 2000300263-A
1999.04.14 1999-107234(+1999JP-107234) (2000.10.31) C12N
15/09, C07K 14/515, 14/71, 16/22, C12N 1/15, C12Q 1/02, 1/68, C12P
21/02, C12N 1/19, 1/21, 5/10 // A61K 38/00, 39/395, 48/00, A61P 9/10,
27/02, 29/00, 35/00
New genes encoding angiopoietin-like proteins 410 and NEW,
useful for the prevention and treatment of diseases relating to
angiogenesis
C2001-045076

NOVELTY

Angiopoietin-like proteins comprising a fully defined sequence of
493 (S4) or 470 (S8) amino acids as given in the specification, or
functional equivalents, are new.

DETAILED DESCRIPTION

An INDEPENDENT CLAIM is also included for proteins
encoded by DNAs capable of hybridizing with DNAs comprising a
fully defined 1482 base pair sequence as given in the specification.

ACTIVITY

Angiogenesis.

B(4-E2F, 4-E3F, 4-N4A, 14-H1) D(5-H12E, 5-H17A6)
.4

B0131

MECHANISM OF ACTION

None given.

USE

Prevention and treatment of diseases relating to angiogenesis.

EXAMPLE

The genes encoding for angiopoietin-like proteins (410 and NEW)
were isolated using human embryo derived poly A⁺ RNA as a
template with reverse transcription polymerase chain reaction (RT-
PCR), and encoded proteins with a fully defined sequence of 493 and
470 amino acids as given in the specification.

TECHNOLOGY FOCUS

Biotechnology - Further details are disclosed in 6 claims.
(26pp079DwgNo.0/8)

JP 2000300263-A

2001-151129/16 B04 D16 FJRE 1999.04.21
FUJIREBIO KK *JP 2000300268-A
1999.04.21 1999-113166(+1999JP-113166) (2000.10.31) C12N
15/09, C12Q 1/68
Measurement of a nucleic acid, comprises hybridizing the target
nucleic acid with a crosslinking probe, extending the probe with
labeled nucleotides and detecting the label
C2001-045077

NOVELTY

Measuring a target nucleic acid contained in a sample comprising:
(a) combining the target nucleic acid (I) to a solid phase;
(b) reacting a crosslinking probe (II) with a template nucleic acid (III);
(c) extending (II) in the presence of a labeled nucleotide by using the
region of (II) hybridized with (III) as the primer; and
(d) measuring the label combined to the solid phase, is new.

DETAILED DESCRIPTION

Measuring a target nucleic acid contained in a sample comprising:
(a) combining the target nucleic acid (I) to a solid phase;
(b) reacting a crosslinking probe (II) containing a 3' terminal region
not hybridizing with (I) and a template nucleic acid (III) containing
a region forming a single strand protruding to the extending

B(4-B3B, 4-E1, 11-C8E5, 12-K4F) D(5-H9, 5-H10, 5-
H18B) .4

B0132

direction of the 3' terminal of (II) under hybridizing conditions;
(c) extending (II) in the presence of a labeled nucleotide by using the
region of (II) hybridized with (III) as the primer; and
(d) measuring the label taken into the newly extended nucleic acid
portion combined to the solid phase, is new.

An INDEPENDENT CLAIM is also included for a kit for measuring a
target nucleic acid containing at least one (II) and (III).

USE

The method is used for the measurement of nucleic acid contained
in a trace amount in a sample.

ADVANTAGE

The method can measure nucleic acid in a sample with great
sensitivity.

EXAMPLE

No example given.
(12pp097DwgNo.0/6)

JP 2000300268-A

2001-151130/16 A96 B07 FUKO- 1999.04.26
FUKOKU KK *JP 2000300670-A
1999.04.26 1999-118254(+1999JP-118254) (2000.10.31) A61M 5/315
Gasket for disposable syringe has amorphous carbon film at its
sliding surface with cylinder inner wall
C2001-045078

NOVELTY

The gasket (13) made of rubber and resin is mounted at the end of
a plunger of a disposable syringe. The gasket moves slidably in the
inner wall of a cylinder of the syringe. The amorphous carbon film
(13) is provided to the sliding surface of the gasket with the cylinder.

DETAILED DESCRIPTION

An INDEPENDENT CLAIM is also included for manufacturing
method of gasket.

USE

For disposable syringe.

ADVANTAGE

Prevents entry of foreign material inside the body of person.
Facilitates smooth ejection of medical solution from the cylinder.

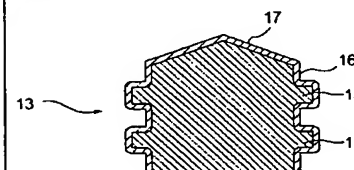
A(12-H8, 12-V3D) B(5-C6, 11-C2) .2

B0133

Provides subject sealing to the medical solution.

DESCRIPTION OF DRAWING

The figure shows the sectional drawing of gasket.
Gasket 13



(6pp4054DwgNo.2/8)

JP 2000300670-A

THIS PAGE BLANK (USPTO)

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2000-300263

(P2000-300263A)

(43) 公開日 平成12年10月31日 (2000. 10. 31)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テームコード* (参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 1 2 N 15/00	Z N A A 4 B 0 2 4
C 0 7 K 14/515		C 0 7 K 14/515	4 B 0 6 3
14/71		14/71	4 B 0 6 4
16/22		16/22	4 B 0 6 5
C 1 2 N 1/15		C 1 2 N 1/15	4 C 0 8 4
審査請求 未請求 請求項の数15 O L (全 26 頁) 最終頁に続く			

(21) 出願番号 特願平11-107234

(22) 出願日 平成11年4月14日 (1999. 4. 14)

(71) 出願人 597059742

株式会社ヘリックス研究所

千葉県木更津市矢那1532番地3

(72) 発明者 松本 俊一郎

千葉県船橋市本町4-43-2-605

(72) 発明者 齋藤 祥子

千葉県木更津市東大田4-5-13-C-103

(72) 発明者 増保 安彦

東京都小金井市東町5-19-15

(74) 代理人 100102978

弁理士 清水 初志 (外1名)

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 血管新生に関連するタンパク質「410」および「NEW」、ならびに該タンパク質をコードする遺伝子

(57) 【要約】

【課題】 新規なアンジオポエチン様タンパク質およびそれらの遺伝子、並びにそれらの製造方法及び用途を提供することを課題とする。

【解決手段】 ヒト胎児由来のcDNAから、既知のアンジオポエチンと相同性を有する新規なタンパク質 (410およびNEW) を同定した。これらのタンパク質は血管新生の制御への関与が示唆され、血管新生が関与する疾患に対する新しい予防薬や治療薬の開発に有用である。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号：4 または 8 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質、または該タンパク質中のアミノ酸配列において 1 若しくは複数のアミノ酸が欠失、付加、挿入および／または他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列からなり、配列番号：4 または 8 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質。

【請求項 2】 配列番号：3 または 7 に記載の塩基配列からなる DNA とハイブリダイズする DNA がコードするタンパク質であって、配列番号：4 または 8 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質。

【請求項 3】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質をコードする DNA。

【請求項 4】 請求項 3 に記載の DNA を含むベクター。

【請求項 5】 請求項 4 に記載のベクターを保持する形質転換体。

【請求項 6】 請求項 5 に記載の形質転換体を培養する工程を含む、請求項 1 または 2 に記載のタンパク質の製造方法。

【請求項 7】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質の部分ペプチド。

【請求項 8】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に対する抗体。

【請求項 9】 配列番号：3 または 7 に記載の塩基配列からなる DNA と特異的にハイブリダイズし、少なくとも 15 塩基の鎖長を有する DNA。

【請求項 10】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に結合する化合物をスクリーニングする方法であって、
(a) 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質またはその部分ペプチドに被検試料を接触させる工程、および
(b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する化合物を選択する工程、を含む方法。

【請求項 11】 請求項 10 に記載の方法により単離される、請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に結合する化合物。

【請求項 12】 受容体タンパク質である、請求項 11 に記載の化合物。

【請求項 13】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質の受容体を発現する細胞をスクリーニングする方法であって、(a) 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質またはその部分ペプチドに被検細胞試料を接触させる工程、および (b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する細胞を選択する工程、を含む方法。

【請求項 14】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、請求項 1 または 2 に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、

(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および (c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法。

【請求項 15】 請求項 14 に記載の方法により単離される、請求項 1 または 2 に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は、血管新生に関与するタンパク質と相同性を有する新規なタンパク質およびそれらの遺伝子、並びにそれらの製造および用途に関する。

【0002】

【従来の技術】 血管の形成過程は、胎生初期での“脈管形成 (vasculogenesis)”と、同後期での“血管新生 (angiogenesis)”の二段階に分類される [W. Risau, Nature, 386: 671-674 (1997); D. Hanahan, Science, 277: 48-50 (1997)]。両過程ではレセプター型チロシン・キナーゼ (RTK) の関与が示唆されており、脈管形成では血管内皮増殖因子 (vascular endothelial growth factor; VEGF) とそれに対する特異的な細胞膜上受容体 (VEGF-R1, VEGF-R2) が重要な役割を果たしている事がノックアウトマウスの実験より証明されている [F. Shalaby et al., Nature, 376: 62-66 (1995)]。一方、血管新生の過程でも RTK タイプの細胞膜上受容体、“Tie”の関与が想定されている。Tie には Tie-1 と Tie-2 が存在するが、マウスを用いたノックアウト実験で脈管形成不全による致死を誘発することから、両分子共に血管造成における必須の因子であるとされている [T. N. Sato et al., Nature, 376: 70-74 (1995); M. C. Puri et al., EMBO J., 14: 5884-5891 (1995)]。

【0003】 Tie-2 の特異的なリガンドは、アメリカの研究グループにより遺伝子クローニングがなされ、アンギオポエチン-1 (Angiopoietin-1) [S. Davis et al., Cell, 87: 1161-1169 (1996)] およびアンギオポエチン-2 (Angiopoietin-2) [P. C. Maisonpierre et al., Science, 277: 55-60 (1997)] と名付けられた。アンギオポエチン-1 (Ang-1) は Tie-2 結合を介して血管内皮細胞に働きかけ、VEGF により構築された幼若血管をより成熟な血管へと分化誘導する。アンギオポエチン-1 の過剰発現動物を用いた実験では、血管が巨大化し、数が増え、また分岐が多くなる事が観察されている [C. Suri et al., Science, 282: 468-471 (1998)]。アンギオポエチン-2 (Ang-2) はアンギオポエチン-1/Tie-2 系での生理的な阻害物質であると考えられており、アンギオポエチン-1 と競合的に働き、脈管形成、形態維持を制御していると考えられている [P. C. Maisonpierre et al., Science, 277: 55-60 (1997)]。他方、Tie-1 に対する特異

的なリガンドは未同定である。血管新生に関与する未知の因子のクローニングが望まれていた。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】本発明は、新規なアンギオポエチン様タンパク質およびそれらの遺伝子、並びにそれらの製造方法及び用途を提供することを課題とする。

【0005】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、上記課題を解決すべく鋭意研究を行った結果、ヒト胎児由来のポリA⁺ RNAを用いた逆転写ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCR)により、2つの新規なcDNAを単離することに成功した(この2つのクローンをそれぞれ「410」および「NEW」と命名した)。

【0006】単離したcDNAによりコードされる「410」タンパク質および「NEW」タンパク質のアミノ酸配列は、血管新生に関与するタンパク質であるアンギオポエチン-1およびアンギオポエチン-2と相同性を有していた(図1~4)。特に、ヒトアンギオポエチン-1および-2において生物活性を有していると考えられているC末端領域のフィブリノーゲンドメインは、「410」タンパク質および「NEW」タンパク質のC末端領域でも保存されていた(図5~8)。「410」タンパク質および「NEW」タンパク質のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列は、ヒトアンギオポエチン-1および-2と40%以上の同一性を有しており、N末端領域よりも高度に保存されていた。また、「410」タンパク質および「NEW」タンパク質のアミノ酸配列には、アンギオポエチン-1および-2で保存されているシステイン残基6部位のうち、5部位が保存されていた。これらのことから、「410」タンパク質および「NEW」タンパク質は、血管新生に関与するアンギオポエチンファミリーに属する新規なタンパク質と考えられる。

【0007】本発明者らは、「410」タンパク質および「NEW」タンパク質とアンギオポエチンとの密接な関係から、これらタンパク質やそれらの遺伝子、さらにはこれらタンパク質の活性を調節する化合物が、血管新生に関与する各種疾患の治療などへ応用しうることを見出した。

【0008】すなわち、本発明は、新規なアンギオポエチン様タンパク質およびそれらの遺伝子、並びにそれらの製造および用途に関し、より具体的には、(1) 配列番号：4または8に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質、または該タンパク質中のアミノ酸配列において1若しくは複数のアミノ酸が欠失、付加、挿入および/または他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列からなり、配列番号：4または8に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質、(2) 配列番号：3または7に記載の塩基配列からなるDNAとハイブリダイズするDNAがコードするタンパ

ク質であって、配列番号：4または8に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質と機能的に同等なタンパク質、

(3) (1)または(2)に記載のタンパク質をコードするDNA、(4) (3)に記載のDNAを含むベクター、(5) (4)に記載のベクターを保持する形質転換体、(6) (5)に記載の形質転換体を培養する工程を含む、(1)または(2)に記載のタンパク質の製造方法、(7) (1)または(2)に記載のタンパク質の部分ペプチド、(8) (1)または(2)に記載のタンパク質に対する抗体、(9) 配列番号：3または7に記載の塩基配列からなるDNAと特異的にハイブリダイズし、少なくとも15塩基の鎖長を有するDNA、

(10) (1)または(2)に記載のタンパク質に結合する化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) (1)または(2)に記載のタンパク質またはその部分ペプチドに被検試料を接触させる工程、および

(b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する化合物を選択する工程、を含む方法、(11) (10)に記載の方法により単離されうる、(1)または

(2)に記載のタンパク質に結合する化合物、(12) 受容体タンパク質である、(11)に記載の化合物、

(13) (1)または(2)に記載のタンパク質の受容体を発現する細胞をスクリーニングする方法であって、(a) (1)または(2)に記載のタンパク質またはその部分ペプチドに被検細胞試料を接触させる工程、および(b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する細胞を選択する工程、を含む方法、(14)

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

(14)に記載の方法により単離されうる、(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物、に関する。

(1)または(2)に記載のタンパク質とその受容体との結合を阻害する化合物をスクリーニングする方法であって、(a) 被検試料の存在下で、(1)または(2)に記載のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む方法、(15)

れらタンパク質が、特に血管新生の制御に関与しているタンパク質であることを示唆している。従って、本発明のタンパク質やそれらの遺伝子、また、本発明のタンパク質の活性を調節する化合物は、血管新生が関与する疾患の予防や治療への応用が考えられる。

【0010】血管新生とは、既存血管より新たな血管が構築される過程であると考えられており、生理的には排卵、胎盤形成、炎症、創傷治癒などで起きる。しかし、これら以外にも、血管新生はさまざまな疾患において重要な役割を果たすと考えられる。例えば、狭心症、心筋梗塞、脳梗塞、下肢の閉塞性動脈硬化症などの虚血性疾患において、血管新生を誘導し血流を創生することができれば、これらの疾患の治療を行うことができると考えられる。また、逆に血管新生を抑制することで治療を行うことも考えられる。このような対象となる疾患は、癌、糖尿病性網膜症、リュウマチ性関節炎、アテローム性動脈硬化症などで、いずれも新生血管の発生と病態の悪化には相関性がある。特に癌では、例えば生体内で細胞が悪性化しても血管新生が起これなければ、癌細胞の増殖は起これないと考えられており（こうした癌をdormant tumorと呼ぶ）、血管新生の抑制は、新たな癌治療法として注目されている。

【0011】本発明のアンギオポエチン様タンパク質は、その受容体(群)を介して、それら受容体(群)を活性化または不活化することにより、血管新生の制御に関与していると考えられるため、上記の疾患に対する治療や予防に利用することができると考えられる。さらに、後述するように、本発明のアンギオポエチン様タンパク質を利用してその受容体(群)を単離したり、本発明のタンパク質に応答性を有する細胞を用いて、バイオアッセイにより本発明のタンパク質やその受容体(群)のアゴニストやアンタゴニストをスクリーニングすることが可能となる。本発明のタンパク質の活性を制御するこれら化合物も、また、血管新生が重要な役割を果たす上記疾患の治療や予防のために利用できる。すなわち、血管新生を促進する化合物は、例えば、狭心症、心筋梗塞、脳梗塞、下肢の閉塞性動脈硬化症などの虚血性疾患に対する医薬品候補化合物となり、血管新生を抑制する化合物は、例えば、癌、糖尿病性網膜症、リュウマチ性関節炎、アテローム性動脈硬化症などに対する医薬品候補化合物となる。

【0012】本発明のタンパク質は、組み換えタンパク質として、また天然のタンパク質として調製することが可能である。組み換えタンパク質は、例えば、後述するように本発明のタンパク質をコードするDNAを挿入したベクターを適当な宿主細胞に導入し、形質転換体内で発現したタンパク質を精製することにより調製することが可能である。一方、天然のタンパク質は、例えば、後述する本発明のタンパク質に対する抗体を結合したアフィニティーカラムを利用して調製することができる（Curr

ent Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 16.1-16.19). アフィニティー精製に用いる抗体は、ポリクローナル抗体であってもモノクローナル抗体であってもよい。また、インビトロトランスレーション（例えば、「On the fidelity of mRNA translation in the nuclease-treated rabbit reticulocyte lysate system. Daso, M.C., Jackson, R.J. (1989) NAR 17:3129-3144」参照）などにより本発明のタンパク質を調製することも可能である。

【0013】また、本発明には、「410」タンパク質または「NEW」タンパク質と機能的に同等なタンパク質が含まれる。ここで「機能的に同等」とは、対象となるタンパク質が「410」タンパク質または「NEW」タンパク質と同等の生物学的特性を有していることを意味する。

「410」タンパク質または「NEW」タンパク質が持つ生物学的特性としては、アンギオポエチンのアミノ酸配列と有意な相同性を有し（実施例参照）、分泌性タンパク質として機能するという特性が挙げられる。また、受容体に結合し、受容体を活性化または不活化するという特性が挙げられる。さらに、脈管形成および／または血管新生を制御する特性も考えられる。具体的には血管の形成、形態維持、新生、および／または消失(regression)を調節する活性が考えられる。このような活性には、血管内皮細胞（管腔を形成していないangioblastも含む）や造血細胞の分化、増殖、遊走および／または生存維持を調節する活性などが含まれる。さらに発生時における血管内皮細胞の脱落阻止、出血阻止、および／または心臓の発育を調節する活性なども考えられる。また、プラスミノーゲンアクチベーターやコラゲナーゼを含むプロテアーゼ活性の調節、コラーゲンゲル中などにおける血管様構造の形成の調節、Milesアッセイ等による血管透過性の調節などの活性も考えられる。

【0014】「410」タンパク質または「NEW」タンパク質と機能的に同等なタンパク質は、当業者であれば、例えば、タンパク質中のアミノ酸配列に変異を導入する方法（例えば、部位特異的変異誘発法(Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 8.1-8.5)）を利用して調製することができる。また、このようなタンパク質は、自然界におけるアミノ酸の変異により生じることもある。本発明には、このように「410」タンパク質（配列番号：4）または「NEW」タンパク質（配列番号：8）のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、挿入および／もしくは付加などにより変異したタンパク質であって、これらタンパク質と機能的に同等なタンパク質も含まれる。

【0015】タンパク質におけるアミノ酸の変異数や変異部位は、その機能が保持される限り制限はない。変異数は、典型的には、全アミノ酸の10%以内であり、好ま

しくは全アミノ酸の5%以内であり、さらに好ましくは全アミノ酸の1%以内である。

【0016】また、「410」タンパク質または「NEW」タンパク質と機能的に同等なタンパク質は、当業者に周知のハイブリダイゼーション技術あるいは遺伝子増幅技術を利用して単離することも可能である。即ち、当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術 (Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 6.3-6.4) を用いて「410」または「NEW」をコードするDNA配列（それぞれ配列番号：3または7）またはその一部をもとにこれと相溶性の高いDNAを単離して、該DNAからこれらタンパク質と機能的に同等なタンパク質を得ることは、通常行いうることである。このように「410」タンパク質または「NEW」タンパク質をコードするDNAとハイブリダイズするDNAにコードされるタンパク質であって、これらタンパク質と機能的に同等なタンパク質もまた本発明のタンパク質に含まれる。

【0017】機能的に同等なタンパク質を単離する生物としては、ヒト以外に、例えばラット、マウス、ウサギ、ニワトリ、ブタ、ウシ等が挙げられるが、これらに制限されない。

【0018】機能的に同等なタンパク質をコードするDNAを単離するためのハイブリダイゼーションのストリンジェンシーは、通常「1xSSC、0.1% SDS、37℃」程度であり、より厳しい条件としては「0.5xSSC、0.1% SDS、42℃」程度であり、さらに厳しい条件としては「0.2xSSC、0.1% SDS、65℃」程度であり、ハイブリダイゼーションの条件が厳しくなるほどプローブ配列と高い相溶性を有するDNAの単離を期待しうる。但し、上記SSC、SDSおよび温度の条件の組み合わせは例示であり、当業者であれば、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーを決定する上記若しくは他の要素（例えば、プローブ濃度、プローブの長さ、ハイブリダイゼーション反応時間など）を適宜組み合わせることにより、上記と同様のストリンジェンシーを実現することが可能である。

【0019】このようなハイブリダイゼーション技術を利用して単離されるタンパク質は、通常、「410」タンパク質または「NEW」タンパク質とアミノ酸配列において高い相溶性を有する。高い相溶性とは、少なくとも40%以上、好ましくは60%以上、さらに好ましくは90%以上の配列の相溶性を指す。相溶性の特定は、BLAST検索アルゴリズムを用いて決定することができる。

【0020】また、遺伝子増幅技術 (PCR) (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons Section 6.1-6.4) を用いて「410」タンパク質または「NEW」タンパク質をコードするDNA配列（それぞれ配列番号：3または7）の一部をもとにプライマーを設計し、これらタンパク質をコードするDNA配列またはその一部と相溶性の

高いDNA断片を単離して、これを基にこれらタンパク質と機能的に同等なタンパク質を得ることも可能である。

【0021】本発明は、また、本発明のタンパク質の部分ペプチドを含む。この部分ペプチドには、例えば、シグナルペプチドが除去されたタンパク質が含まれる。また、本発明のタンパク質の競合阻害剤として機能する、受容体との結合能を有するが受容体を活性化する能力のない部分ペプチドが含まれる。また、抗体調製のための抗原ペプチドが含まれる。部分ペプチドが本発明のタンパク質に特異的であるためには、少なくとも7アミノ酸、好ましくは8アミノ酸以上、より好ましくは9アミノ酸以上のアミノ酸配列からなる。該部分ペプチドは、本発明のタンパク質に対する抗体や本発明のタンパク質の競合阻害剤の調製以外に、例えば、本発明のタンパク質に結合する受容体のスクリーニングなどに利用し得る。本発明の部分ペプチドは、例えば、遺伝子工学的手法、公知のペプチド合成法、あるいは本発明のタンパク質を適当なペプチダーゼで切断することによって製造する。

【0022】また、本発明は、上記本発明のタンパク質をコードするDNAに関する。本発明のDNAとしては、本発明のタンパク質をコードしうるものであれば、その形態に特に制限はなく、cDNAの他、ゲノムDNA、化学合成DNAなども含まれる。また、本発明のタンパク質をコードしうる限り、遺伝暗号の縮重に基づく任意の塩基配列を有するDNAが含まれる。本発明のDNAは、上記のように、「410」タンパク質または「NEW」タンパク質をコードするDNA配列（それぞれ配列番号：3または7）あるいはその一部をプローブとしたハイブリダイゼーション法やこれらDNA配列をもとに合成したプライマーを用いたPCR法等の常法により単離することが可能である。

【0023】また、本発明は、本発明のDNAが挿入されたベクターに関する。本発明のベクターとしては、挿入したDNAを安定に保持するものであれば特に制限されず、例えば宿主に大腸菌を用いるのであれば、クローニング用ベクターとしてはpBluescriptベクター (Stratagene社製) などが好ましい。本発明のタンパク質を生産する目的においてベクターを用いる場合には、特に発現ベクターが有用である。発現ベクターとしては、試験管内、大腸菌内、培養細胞内、生物個体内でタンパク質を発現するベクターであれば特に制限されないが、例えば、試験管内発現であればpBESTベクター (プロメガ社製)、大腸菌であればpETベクター (Invitrogen社製)、培養細胞であればpME18S-FL3ベクター (GenBank Accession No. AB009864)、生物個体であればpME18Sベクター (Mol Cell Biol. 8:466~472(1988)) などが好ましい。ベクターへの本発明のDNAの挿入は常法により、例えば制限酵素サイトを用いたりガーゼ反応により行うことができる (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John W

iley & Sons. Section 11.4~11.11)。

【0024】また、本発明は、本発明のベクターを保持する形質転換体に関する。本発明のベクターが導入される宿主細胞としては特に制限はなく、目的に応じて種々の宿主細胞が用いられる。タンパク質を高発現させるための真核細胞としては、例えば、COS細胞、CHO細胞などを例示することができる。

【0025】宿主細胞へのベクター導入は、例えば、リン酸カルシウム沈殿法、電気パルス穿孔法 (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 9.1-9.9)、リポフェクタミン法 (GIBCO-BRL社製)、マイクロインジェクション法などの方法で行うことが可能である。

【0026】また、本発明は、本発明のタンパク質をコードする配列番号：3または7に記載の塩基配列からなるDNAと特異的にハイブリダイズし、少なくとも15ヌクレオチドの鎖長を有するDNAに関する。ここで「特異的にハイブリダイズする」とは、通常のハイブリダイゼーション条件下、好ましくは厳格な条件下で、本発明のタンパク質をコードする配列番号：3または7に記載の塩基配列からなるDNAとハイブリダイズし、他のタンパク質をコードするDNAとはハイブリダイズしないことを意味する。このようなDNAは、本発明のDNAを検出、単離するためのプローブとして、また、本発明のDNAを増幅するためのプライマーとして利用することが可能である。プライマーとして用いる場合には、通常、15bp~100bp、好ましくは15bp~35bpの鎖長を有する。また、プローブとして用いる場合には、本発明のDNAの少なくとも一部若しくは全部の配列を有し、少なくとも15bpの鎖長のDNAが用いられる。

【0027】本発明のDNAは、本発明のタンパク質の異常を検査・診断するために利用できる。例えば、本発明のDNAをプローブやプライマーとして用いたノーザンハイブリダイゼーションやRT-PCRにより、発現異常を検査したり、本発明のDNAをプライマーとして用いたポリメラーゼ連鎖反応(PCR)によりゲノムDNA-PCRやRT-PCRにより本発明のタンパク質をコードするDNAやその発現制御領域を増幅し、RFLP解析、SSCP、シーケンシング等の方法により、配列の異常を検査・診断することができる。

【0028】また、「配列番号：3または7に記載のDNAと特異的にハイブリダイズし、少なくとも15ヌクレオチドの鎖長を有するDNA」には、本発明のタンパク質の発現を抑制するためのアンチセンスDNAが含まれる。アンチセンスDNAは、アンチセンス効果を引き起こすために、少なくとも15bp以上、好ましくは100bp、さらに好ましくは500bp以上の鎖長を有し、通常、3000bp以内、好ましくは2000bp以内の鎖長を有する。このようなアンチセンスDNAには、本発明のタンパク質の異常(機能異

常や発現異常)などに起因した疾患(特に、血管新生に関連した疾患)の遺伝子治療への応用も考えられる。該アンチセンスDNAは、例えば、本発明のタンパク質をコードするDNA(例えば、配列番号：3または7に記載のDNA)の配列情報を基にホスホロチオネート法(Stein, 1988 Physicochemical properties of phosphorothioate oligodeoxynucleotides. Nucleic Acids Res 16, 3209-21(1988))などにより調製することが可能である。

【0029】本発明のDNAは、遺伝子治療に用いる場合には、例えば、レトロウイルスベクター、アデノウイルスベクター、アデノ随伴ウイルスベクターなどのウイルスベクターやリポソームなどの非ウイルスベクターなどを利用して、ex vivo法やinvivo法などにより患者へ投与を行うことができる。

【0030】また、本発明は、本発明のタンパク質に結合する抗体に関する。本発明の抗体の形態には特に制限はなく、ポリクローナル抗体やモノクローナル抗体または抗原結合性を有するそれらの一部も含まれる。また、全てのクラスの抗体が含まれる。さらに、本発明の抗体には、ヒト化抗体などの特殊抗体も含まれる。

【0031】本発明の抗体は、ポリクローナル抗体の場合には、常法に従いアミノ酸配列に相当するオリゴペプチドを合成して家兎に免疫することにより得ることが可能であり(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.12~11.13)、一方、モノクローナル抗体の場合には、常法に従い大腸菌で発現し精製したタンパク質を用いてマウスを免疫し、脾臓細胞と骨髓腫細胞を細胞融合させたハイブリドーマ細胞の中から得ることができる(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.4~11.11)。

【0032】本発明のタンパク質に結合する抗体は、本発明のタンパク質の精製に加え、例えば、本発明のタンパク質の発現異常や構造異常の検査・診断に利用することも考えられる。具体的には、例えば組織、血液、または細胞などからタンパク質を抽出し、ウェスタンブロットティング、免疫沈降、ELISA等の方法による本発明のタンパク質の検出を通して、発現や構造の異常の有無を検査・診断することができる。

【0033】また、本発明のタンパク質に結合する抗体を、本発明のタンパク質に関連した疾患の治療などの目的に利用することも考えられる。抗体を患者の治療目的で用いる場合には、ヒト抗体またはヒト化抗体が免疫原性の少ない点で好ましい。ヒト抗体は、免疫系をヒトのものに入れ換えたマウス(例えば、「Functional transplant of megabase human immunoglobulin loci recapitulates human antibody response in mice. Mendez, M.J. et al. (1997) Nat. Genet. 15:146-156」参照)に免疫することにより調製することができる。また、ヒト化

抗体は、モノクローナル抗体の超可変領域を用いた遺伝子組み換えによって調製することができる (Methods in Enzymology 203, 99-121 (1991))。

【0034】また、本発明は、本発明のタンパク質を利用した、本発明のタンパク質に結合する化合物のスクリーニング方法に関する。このスクリーニング方法は、

(a) 本発明のタンパク質またはその部分ペプチドに被検試料を接触させる工程、(b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する化合物を選択する工程を含む。

【0035】具体的な方法としては、例えば、本発明のタンパク質のアフィニティーカラムに被検試料を接触させ精製する方法、twoハイブリッドシステムを利用する方法、ウエストウエスタンブロッティング法、コンビナトリアルケミストリー技術におけるハイスループットスクリーニングによる方法など多くの公知の方法を利用することができる。

【0036】スクリーニングに用いる被検試料としては、これらに制限されないが、例えば、細胞抽出液、遺伝子ライブラリーの発現産物、合成低分子化合物、合成ペプチド、天然化合物などが挙げられる。

【0037】このスクリーニング方法によれば、本発明のタンパク質の受容体を単離することが可能である。本発明のタンパク質の受容体を単離するためのスクリーニングを行う場合、被検試料としては、例えば受容体が発現していることが予想される細胞 (例えば血管内皮細胞など) の細胞抽出物や、該細胞から調製したRNAを基に作製したcDNA発現ライブラリーを用いることが可能である。アンギオポエチン-1やアンギオポエチン-2は、それらの受容体として受容体型チロシンキナーゼであるTie-2に結合することが知られている。本発明のタンパク質もまた、受容体型チロシンキナーゼに結合し、細胞内ヘシグナル伝達を行っている可能性が高い。また、このスクリーニング方法によれば、本発明のタンパク質の受容体のアゴニストやアンタゴニストの候補となる化合物を単離することも可能である。

【0038】また、本発明は、本発明のタンパク質の受容体を発現する細胞をスクリーニングする方法に関する。このスクリーニング方法は、(a) 本発明のタンパク質またはその部分ペプチドに被検細胞試料を接触させる工程、および(b) 該タンパク質またはその部分ペプチドに結合する細胞を選択する工程、を含む。

【0039】このスクリーニングは、例えば、以下のように行うことが可能である。まず、本発明のタンパク質の精製品を取得する。次いで、その精製タンパク質を標識し、各種細胞株または初代培養細胞に対して結合アッセイを行い、これにより受容体を発現している細胞を選定する (本庶・新井・谷口・村松編 新化学実験講座 7 増殖分化因子とその受容体p203-236 (1991) 東京化学同人)。標識としては、¹²⁵IなどのRI標識のほか、酵

素 (アルカリホスファターゼ等) 標識も可能である。また、本発明のタンパク質を標識せずに用いて、本発明のタンパク質に対する抗体を標識して用いて検出することも考えられる。

【0040】Ang-1の受容体であるTie-2を発現する細胞は、正常ヒト静脈内皮細胞 (HUVEC, human umbilical vein endothelial cell、宝酒造販売) 等が知られているので、「410」タンパク質または「NEW」タンパク質の受容体を発現する細胞も血管内皮細胞である可能性が高い。それらの細胞を用いれば、Ang-1やAng-2と受容体との結合活性等の比較を行うことができる。また、HUVECで「410」または「NEW」タンパク質とAng-1やAng-2との結合活性等の比較を行うことは当然可能である。

【0041】上記スクリーニングにより得られた本発明のタンパク質の受容体を発現する細胞は、後述するように該受容体のアゴニストやアンタゴニストのスクリーニングに用いることが可能である。

【0042】上記のスクリーニングにより本発明のタンパク質の受容体や該受容体を発現する細胞が得られれば、本発明のタンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を指標に、該結合を阻害する化合物 (例えば、受容体アゴニストやアンタゴニスト) のスクリーニングが可能となる。

【0043】このスクリーニング方法は、(a) 被検試料の存在下で、本発明のタンパク質を該タンパク質の受容体または該受容体を発現する細胞に接触させる工程、

(b) 該タンパク質とその受容体または該受容体を発現する細胞との結合活性を検出する工程、および(c) 被検試料非存在下において検出した場合と比較して、該結合活性を低下させる化合物を選択する工程、を含む。

【0044】スクリーニングに用いる被検試料としては、例えば、細胞抽出液、遺伝子ライブラリーの発現産物、合成低分子化合物、合成ペプチド、天然化合物などが挙げられるが、これらに制限されない。また、本発明のタンパク質との結合活性を指標とした上記のスクリーニングにより単離された化合物を被検試料として用いることも可能である。

【0045】例えば、アイソトープラベルした「410」タンパク質または「NEW」タンパク質と被検試料を、これらタンパク質の受容体を発現する細胞に接触させ、これらタンパク質のその受容体への結合活性を検出する。そして、アイソトープラベルしたこれらタンパク質の細胞当たりの結合活性を低下させる化合物を選択する。

【0046】このスクリーニングにより単離される化合物は、本発明のタンパク質の受容体のアゴニストやアンタゴニストの候補となる。本発明のタンパク質とその受容体との結合活性の低下によるリン酸化などの細胞内シグナルの変化をもとに、得られた化合物が本発明のタンパク質の受容体のアゴニストであるかアンタゴニストであるかを判定することができる。また、得られる化合物

は、生体内において、本発明のタンパク質とこれと相互作用する分子(受容体も含む)との該相互作用を阻害する化合物の候補ともなる。これら化合物は、本発明のタンパク質に関連する疾患(例えば、血管新生に関連する疾患)の予防薬や治療薬への応用が考えられる。

【0047】本発明のスクリーニング方法により単離された化合物を医薬品として用いる場合には、単離された化合物自体を直接患者に投与する以外に、公知の製剤学的方法により製剤化して投与を行うことも可能である。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤などと適宜組み合わせる製剤化して投与することが考えられる。患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。

【0048】

【実施例】次に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。なお、特に断りがない場合は、公知の方法(Maniatis, T. et al. (1982): "Molecular Cloning - A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, N.Y.)に従って実施可能である。

【0049】【実施例1】新規アンギオポエチン様タンパク質をコードする遺伝子の単離

本発明のアンギオポエチン様タンパク質(410、NEW)をコードする全長cDNAは、ヒト胎児由来のpoly A⁺ RNA (Clontech) を鋳型としてRT-PCRにより取得した。

【0050】新規アンギオポエチン様タンパク質「410」の増幅にはforwardプライマーとして5'-ATGAGGCCACTGTGCGTGAC-3' (配列番号: 1)、reverseプライマーとして5'-TTAGTGAAGGTGTGGGGTTCG-3' (配列番号: 2)を用いた。RT-PCRはPyrobest DNA polymerase (宝酒造)を用い94°C (30秒) / 60°C (30秒) / 72°C (2分)のサイクルを35回繰り返した。その結果、約1.5 kbpのDNA断片が増幅された。この断片をpCR2.1プラスミド (Invitrogen)を用いてクローニングした。得られたクローンの塩基配列はダイデオキシターミネーション法によりABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems)を用いて解析した。明らかになった配列を配列番号: 3に示す。

【0051】同配列は1482 baseのオープンリーディングフレーム (配列番号: 3の第1番目から第1482番目)を持っている。オープンリーディングフレームから予測されるアミノ酸配列(493アミノ酸)を配列番号: 4に示す。

【0052】新規アンギオポエチン様タンパク質「NEW」の増幅にはforwardプライマーとして5'-ATGGGAAGCCCTGGCTGCGTGGCTACAG-3' (配列番号: 5)、reverseプライマーとして5'-TCACAGCTTCAGGGGCCGAATGAGCATGGC-3' (配列番号: 6)を用いた。RT-PCRはPyrobest DNA polymerase (宝酒造)を用い5%ホルムアミド存在下で98°C (20秒) / 64°C (30秒) / 74°C (3分)のサイクルを35回繰り返した。その結果、約1.5 kbpのDNA断片が増幅された。この断片をpCR2.1プラスミド (Invitrogen)を用いてクローニングした。得られたクローンの塩基配列はダイデオキシターミネーション法によりABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems)を用いて解析した。明らかになった配列を配列番号: 7に示す。

【0053】同配列は1413 baseのオープンリーディングフレーム (配列番号: 7の第1番目から第1413番目)を持っている。オープンリーディングフレームから予測されるアミノ酸配列(470アミノ酸)を配列番号: 8に示す。

【0054】【実施例2】「410」、「NEW」のアミノ酸配列よりの機能予測

(1) 「410」のアミノ酸配列とヒトアンギオポエチン-1 (Ang1) mRNA complete cds. (U83508, 2149塩基, 498アミノ酸)およびヒトアンギオポエチン-2 (Ang2) mRNA complete cds. (AF004327, 2269塩基, 496アミノ酸)のアミノ酸配列に対するALIGN (calculates a global alignment of two sequences) [Myers and Miller, CABIOS (1989); FASTA2 (ftp://ftp.virginia.edu/pub/fasta/)と共にプログラムをダウンロード可能]による検索を行った。その結果を図1および2に示した。「410」のアミノ酸配列(上段)が、Human angiopoietin-1 (図1下段)およびHuman angiopoietin-2 (図2下段)のアミノ酸配列と、28.7%および28.2%の相同性を示した。これらのことから「410」が血管新生に関与するアンギオポエチン (Angiopoietin) のファミリーである可能性が高い遺伝子であることが示唆された。

【0055】(2) 「NEW」のアミノ酸配列とヒトアンギオポエチン-1 (Ang1) およびヒトアンギオポエチン-2 (Ang2) のアミノ酸配列に対するALIGNによる検索を行った結果を図3および4に示した。「NEW」のアミノ酸配列(上段)が、Human angiopoietin-1 (図3下段)およびHuman angiopoietin-2 (図4下段)のアミノ酸配列と、28.8%および27.2%の相同性を示した。これらのことから「410」が血管新生に関与するアンギオポエチン (Angiopoietin) のファミリーである可能性が高い遺伝子であることが示唆された。

【0056】(3) 「410」、「NEW」のアミノ酸配列よりの機能予測

ヒトアンギオポエチン-1およびヒトアンギオポエチン-2の生物活性は分子内C末端領域に存在するフィブリノーゲンドメインに存在すると考えられている[D.M. Valenz

uela et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96: 1904-1909 (1999)]. 「410」、「NEW」にも同様のフィブリノーゲンドメイン（それぞれアミノ酸番号275-460および257-441）が分子内C末端領域に存在している。この領域について、ヒトアンギオポエチン-1およびヒトアンギオポエチン-2のフィブリノーゲンドメイン（それぞれアミノ酸番号282-468および281-467）のALIGNによる検索を行った。その結果を図5から8に示した。「410」、「NEW」のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列は、Human angiopoietin-1およびHuman angiopoietin-2と、いずれも40%以上保存されており、分子内N末領域よりも特に良く保存されていたことから、アンギオポエチン同様の生物活性を有する可能性が考えられた。

【0057】さらに、Ang1のアミノ酸番号で41, 286, 315, 439, および452であり、Ang2のアミノ酸番号で41, 284, 313, 437, および450であるシステイン残基が、「410」でもアミノ酸番号で54, 278, 307, 430, および443、「NEW」ではアミノ酸番号で37, 260, 287, 410, および423で存在していた。この結果は、ヒトAng1およびAng2、並びにマウスAng1およびAng2で共通に保存されているシステイン残基8個、[P. C. Maisonpierre et al.,

Science, 277: 55-60 (1997)]のうち5個が「410」、「NEW」でも存在していることを示している。残りのAng1およびAng2で保存されているシステイン残基3個のうち2個はCys-X-Cys-X-Cysの2個であった。このことより、Ang1およびAng2で保存されているシステイン残基6部位のうち、「410」、「NEW」では5部位に存在していることが分かった。

【0058】これらのことから「410」、「NEW」が血管新生に関与するアンギオポエチン（Angiopoietin）のファミリーである可能性が高いタンパク質であることが示唆された。

【0059】

【発明の効果】本発明のタンパク質は、血管新生の制御に関与していることが示唆されるため、本発明のタンパク質やそれらの遺伝子、または本発明のタンパク質や受容体の活性を制御する化合物は、血管新生が関与する疾患の新しい予防薬や治療薬の開発への利用が期待される。

【0060】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

```
<110> Helix Research Institute
<120> "410" and "NEW", proteins related to angiogenesis
        and genes encoding them.
<130> H1-104
<140>
<141>
<160> 8
<170> PatentIn Ver. 2.0
<210> 1
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Artificially
        Synthesized Primer Sequence
<400> 1
atgaggccac tgtgcgtgac
<210> 2
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Artificially
        Synthesized Primer Sequence
<400> 2
ttagtggaag gtgttggggt tcg
<210> 3
<211> 1482
```

17

18

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1) ..(1482)

<400> 3

```

atg agg cca ctg tgc gtg aca tgc tgg tgg ctc gga ctg ctg gct gcc 48
Met Arg Pro Leu Cys Val Thr Cys Trp Trp Leu Gly Leu Leu Ala Ala
      1              5              10              15
atg gga gct gtt gca ggc cag gag gac ggt ttt gag ggc act gag gag 96
Met Gly Ala Val Ala Gly Gln Glu Asp Gly Phe Glu Gly Thr Glu Glu
              20              25              30
ggc tcg cca aga gag ttc att tac cta aac agg tac aag cgg gcg ggc 144
Gly Ser Pro Arg Glu Phe Ile Tyr Leu Asn Arg Tyr Lys Arg Ala Gly
              35              40              45
gag tcc cag gac aag tgc acc tac acc ttc att gtg ccc cag cag cgg 192
Glu Ser Gln Asp Lys Cys Thr Tyr Thr Phe Ile Val Pro Gln Gln Arg
              50              55              60
gtc acg ggt gcc atc tgc gtc aac tcc aag gag cct gag gtg ctt ctg 240
Val Thr Gly Ala Ile Cys Val Asn Ser Lys Glu Pro Glu Val Leu Leu
              65              70              75              80
gag aac cga gtg cat aag cag gag cta gag ctg ctc aac aat gag ctg 288
Glu Asn Arg Val His Lys Gln Glu Leu Glu Leu Leu Asn Asn Glu Leu
              85              90              95
ctc aag cag aag cgg cag atc gag acg ctg cag cag ctg gtg gag gtg 336
Leu Lys Gln Lys Arg Gln Ile Glu Thr Leu Gln Gln Leu Val Glu Val
              100              105              110
gac ggc ggc att gtg agc gag gtg aag ctg ctg cgc aag gag agc cgc 384
Asp Gly Gly Ile Val Ser Glu Val Lys Leu Leu Arg Lys Glu Ser Arg
              115              120              125
aac atg aac tcg cgg gtc acg cag ctc tac atg cag ctc ctg cac gag 432
Asn Met Asn Ser Arg Val Thr Gln Leu Tyr Met Gln Leu Leu His Glu
              130              135              140
atc atc cgc aag cgg gac aac gcg ttg gag ctc tcc cag ctg gag aac 480
Ile Ile Arg Lys Arg Asp Asn Ala Leu Glu Leu Ser Gln Leu Glu Asn
              145              150              155              160
agg atc ctg aac cag aca gcc gac atg ctg cag ctg gcc agc aag tac 528
Arg Ile Leu Asn Gln Thr Ala Asp Met Leu Gln Leu Ala Ser Lys Tyr
              165              170              175
aag gac ctg gag cac aag tac cag cac ctg gcc aca ctg gcc cac aac 576
Lys Asp Leu Glu His Lys Tyr Gln His Leu Ala Thr Leu Ala His Asn
              180              185              190
caa tca gag atc atc gcg cag ctt gag gag cac tgc cag agg gtg ccc 624
Gln Ser Glu Ile Ile Ala Gln Leu Glu Glu His Cys Gln Arg Val Pro
              195              200              205
tcg gcc agg ccc gtc ccc cag cca ccc ccc gct gcc ccg ccc cgg gtc 672
Ser Ala Arg Pro Val Pro Gln Pro Pro Pro Ala Ala Pro Pro Arg Val
              210              215              220
tac caa cca ccc acc tac aac cgc atc atc aac cag atc tct acc aac 720
Tyr Gln Pro Pro Thr Tyr Asn Arg Ile Ile Asn Gln Ile Ser Thr Asn

```

19

20

225	230	235	240	
gag atc cag agt gac cag aac ctg aag gtg ctg cca ccc cct ctg ccc				768
Glu Ile Gln Ser Asp Gln Asn Leu Lys Val Leu Pro Pro Pro Leu Pro				
	245	250	255	
act atg ccc act ctc acc agc ctc cca tct tcc acc gac aag ccg tcg				816
Thr Met Pro Thr Leu Thr Ser Leu Pro Ser Ser Thr Asp Lys Pro Ser				
	260	265	270	
ggc cca tgg aga gac tgc ctg cag gcc ctg gag gat ggc cac gac acc				864
Gly Pro Trp Arg Asp Cys Leu Gln Ala Leu Glu Asp Gly His Asp Thr				
	275	280	285	
agc tcc atc tac ctg gtg aag ccg gag aac acc aac cgc ctc atg cag				912
Ser Ser Ile Tyr Leu Val Lys Pro Glu Asn Thr Asn Arg Leu Met Gln				
	290	295	300	
gtg tgg tgc gac cag aga cac gac ccc ggg ggc tgg acc gtc atc cag				960
Val Trp Cys Asp Gln Arg His Asp Pro Gly Gly Trp Thr Val Ile Gln				
305	310	315	320	
aga cgc ctg gat ggc tct gtt aac ttc ttc agg aac tgg gag acg tac				1008
Arg Arg Leu Asp Gly Ser Val Asn Phe Phe Arg Asn Trp Glu Thr Tyr				
	325	330	335	
aag caa ggg ttt ggg aac att gat ggc gaa tac tgg ctg ggc ctg gag				1056
Lys Gln Gly Phe Gly Asn Ile Asp Gly Glu Tyr Trp Leu Gly Leu Glu				
	340	345	350	
aac att tac tgg ctg acg aac caa ggc aac tac aaa ctc ctg gtg acc				1104
Asn Ile Tyr Trp Leu Thr Asn Gln Gly Asn Tyr Lys Leu Leu Val Thr				
	355	360	365	
atg gag gac tgg tcc ggc cgc aaa gtc ttt gca gaa tac gcc agt ttc				1152
Met Glu Asp Trp Ser Gly Arg Lys Val Phe Ala Glu Tyr Ala Ser Phe				
	370	375	380	
cgc ctg gaa cct gag agc gag tat tat aag ctg cgg ctg ggg cgc tac				1200
Arg Leu Glu Pro Glu Ser Glu Tyr Tyr Lys Leu Arg Leu Gly Arg Tyr				
	385	390	395	400
cat ggc aat ggc ggt gac tcc ttt aca tgg cac aac ggc aag cag ttc				1248
His Gly Asn Ala Gly Asp Ser Phe Thr Trp His Asn Gly Lys Gln Phe				
	405	410	415	
acc acc ctg gac aga gat cat gat gtc tac aca gga aac tgt gcc cac				1296
Thr Thr Leu Asp Arg Asp His Asp Val Tyr Thr Gly Asn Cys Ala His				
	420	425	430	
tac cag aag gga ggc tgg tgg tat aac gcc tgt gcc cac tcc aac ctc				1344
Tyr Gln Lys Gly Gly Trp Trp Tyr Asn Ala Cys Ala His Ser Asn Leu				
	435	440	445	
aac ggg gtc tgg tac cgc ggg ggc cat tac cgg agc cgc tac cag gac				1392
Asn Gly Val Trp Tyr Arg Gly Gly His Tyr Arg Ser Arg Tyr Gln Asp				
	450	455	460	
gga gtc tac tgg gct gag ttc cga gga ggc tct tac tca ctc aag aaa				1440
Gly Val Tyr Trp Ala Glu Phe Arg Gly Gly Ser Tyr Ser Leu Lys Lys				
	465	470	475	480
gtg gtg atg atg atc cga ccg aac ccc aac acc ttc cac taa				1482
Val Val Met Met Ile Arg Pro Asn Pro Asn Thr Phe His				
	485	490		

21

22

<210> 4

<211> 493

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

```

Met Arg Pro Leu Cys Val Thr Cys Trp Trp Leu Gly Leu Leu Ala Ala
 1           5           10           15
Met Gly Ala Val Ala Gly Gln Glu Asp Gly Phe Glu Gly Thr Glu Glu
          20           25           30
Gly Ser Pro Arg Glu Phe Ile Tyr Leu Asn Arg Tyr Lys Arg Ala Gly
          35           40           45
Glu Ser Gln Asp Lys Cys Thr Tyr Thr Phe Ile Val Pro Gln Gln Arg
          50           55           60
Val Thr Gly Ala Ile Cys Val Asn Ser Lys Glu Pro Glu Val Leu Leu
          65           70           75           80
Glu Asn Arg Val His Lys Gln Glu Leu Glu Leu Leu Asn Asn Glu Leu
          85           90           95
Leu Lys Gln Lys Arg Gln Ile Glu Thr Leu Gln Gln Leu Val Glu Val
          100          105          110
Asp Gly Gly Ile Val Ser Glu Val Lys Leu Leu Arg Lys Glu Ser Arg
          115          120          125
Asn Met Asn Ser Arg Val Thr Gln Leu Tyr Met Gln Leu Leu His Glu
          130          135          140
Ile Ile Arg Lys Arg Asp Asn Ala Leu Glu Leu Ser Gln Leu Glu Asn
          145          150          155          160
Arg Ile Leu Asn Gln Thr Ala Asp Met Leu Gln Leu Ala Ser Lys Tyr
          165          170          175
Lys Asp Leu Glu His Lys Tyr Gln His Leu Ala Thr Leu Ala His Asn
          180          185          190
Gln Ser Glu Ile Ile Ala Gln Leu Glu Glu His Cys Gln Arg Val Pro
          195          200          205
Ser Ala Arg Pro Val Pro Gln Pro Pro Pro Ala Ala Pro Pro Arg Val
          210          215          220
Tyr Gln Pro Pro Thr Tyr Asn Arg Ile Ile Asn Gln Ile Ser Thr Asn
          225          230          235          240
Glu Ile Gln Ser Asp Gln Asn Leu Lys Val Leu Pro Pro Pro Leu Pro
          245          250          255
Thr Met Pro Thr Leu Thr Ser Leu Pro Ser Ser Thr Asp Lys Pro Ser
          260          265          270
Gly Pro Trp Arg Asp Cys Leu Gln Ala Leu Glu Asp Gly His Asp Thr
          275          280          285
Ser Ser Ile Tyr Leu Val Lys Pro Glu Asn Thr Asn Arg Leu Met Gln
          290          295          300
Val Trp Cys Asp Gln Arg His Asp Pro Gly Gly Trp Thr Val Ile Gln
          305          310          315          320
Arg Arg Leu Asp Gly Ser Val Asn Phe Phe Arg Asn Trp Glu Thr Tyr
          325          330          335
Lys Gln Gly Phe Gly Asn Ile Asp Gly Glu Tyr Trp Leu Gly Leu Glu
          340          345          350
Asn Ile Tyr Trp Leu Thr Asn Gln Gly Asn Tyr Lys Leu Leu Val Thr

```

23

24

355 360 365
 Met Glu Asp Trp Ser Gly Arg Lys Val Phe Ala Glu Tyr Ala Ser Phe
 370 375 380
 Arg Leu Glu Pro Glu Ser Glu Tyr Tyr Lys Leu Arg Leu Gly Arg Tyr
 385 390 395 400
 His Gly Asn Ala Gly Asp Ser Phe Thr Trp His Asn Gly Lys Gln Phe
 405 410 415
 Thr Thr Leu Asp Arg Asp His Asp Val Tyr Thr Gly Asn Cys Ala His
 420 425 430
 Tyr Gln Lys Gly Gly Trp Trp Tyr Asn Ala Cys Ala His Ser Asn Leu
 435 440 445
 Asn Gly Val Trp Tyr Arg Gly Gly His Tyr Arg Ser Arg Tyr Gln Asp
 450 455 460
 Gly Val Tyr Trp Ala Glu Phe Arg Gly Gly Ser Tyr Ser Leu Lys Lys
 465 470 475 480
 Val Val Met Met Ile Arg Pro Asn Pro Asn Thr Phe His
 485 490

<210> 5

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Artificially
Synthesized Primer Sequence

<400> 5

atggggaagc cctggctgcg tgcgtacag

30

<210> 6

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Artificially
Synthesized Primer Sequence

<400> 6

tcacagcttc aggggcccga tgagcatggc

30

<210> 7

<211> 1413

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1) ..(1413)

<400> 7

atg ggg aag ccc tgg ctg cgt gcg cta cag ctg ctg ctc ctg ctg ggc 48

Met Gly Lys Pro Trp Leu Arg Ala Leu Gln Leu Leu Leu Leu Gly

1

5

10

15

gcg tcg tgg gcg cgg gcg gcc ccg cgc tgc acc tac acc ttc gtc 96

Ala Ser Trp Ala Arg Ala Gly Ala Pro Arg Cys Thr Tyr Thr Phe Val

20

25

30

ctg ccc ccg cag aag ttc acg gcc gct gtg tgc tgg agc gcc ccc gca 144

25	26
Leu Pro Pro Gln Lys Phe Thr Gly Ala Val Cys Trp Ser Gly Pro Ala	
35 40 45	
tcc acg cgg gcg acg ccc gag gcc gcc aac gcc agc gag ctg gcg gcg	192
Ser Thr Arg Ala Thr Pro Glu Ala Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ala Ala	
50 55 60	
ctg cgc atg cgc gtc ggc cgc cac gag gag ctg tta cgc gag ctg cag	240
Leu Arg Met Arg Val Gly Arg His Glu Glu Leu Leu Arg Glu Leu Gln	
65 70 75 80	
agg ctg gcg gcg gcc gac ggc gcc gtg gcc ggc gag gtg cgc gcg ctg	288
Arg Leu Ala Ala Ala Asp Gly Ala Val Ala Gly Glu Val Arg Ala Leu	
85 90 95	
cgc aag gag agc cgc ggc ctg agc gcg cgc ctg ggc cag ttg cgc gcg	336
Arg Lys Glu Ser Arg Gly Leu Ser Ala Arg Leu Gly Gln Leu Arg Ala	
100 105 110	
cag ctg cag cac gag gcg ggg ccc ggg gcg ggc ccg ggg gcg gat ctg	384
Gln Leu Gln His Glu Ala Gly Pro Gly Ala Gly Pro Gly Ala Asp Leu	
115 120 125	
ggg gcg gag cct gcc gcg gcg ctg gcg ctg ctc ggg gag cgc gtg ctc	432
Gly Ala Glu Pro Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu Gly Glu Arg Val Leu	
130 135 140	
aac gcg tcc gcc gag gct cag cgc gca gcc gcc cgg ttc cac cag ctg	480
Asn Ala Ser Ala Glu Ala Gln Arg Ala Ala Ala Arg Phe His Gln Leu	
145 150 155 160	
gac gtc aag ttc cgc gag ctg gcg cag ctc gtc acc cag cag agc agt	528
Asp Val Lys Phe Arg Glu Leu Ala Gln Leu Val Thr Gln Gln Ser Ser	
165 170 175	
ctc atc gcc cgc ctg gag cgc ctg tgc ccg gga ggc gcg ggc ggg cag	576
Leu Ile Ala Arg Leu Glu Arg Leu Cys Pro Gly Gly Ala Gly Gly Gln	
180 185 190	
cag cag gtc ctg ccg cca ccc cca ctg gtg cct gtg gtt ccg gtc cgt	624
Gln Gln Val Leu Pro Pro Pro Pro Leu Val Pro Val Val Pro Val Arg	
195 200 205	
ctt gtg ggt agc acc agt gac acc agt agg atg ctg gac cca gcc cca	672
Leu Val Gly Ser Thr Ser Asp Thr Ser Arg Met Leu Asp Pro Ala Pro	
210 215 220	
gag ccc cag aga gac cag acc cag aga cag cag gag ccc atg gct tct	720
Glu Pro Gln Arg Asp Gln Thr Gln Arg Gln Gln Glu Pro Met Ala Ser	
225 230 235 240	
ccc atg cct gca ggt cac cct gcg gtc ccc acc aag cct gtg ggc ccg	768
Pro Met Pro Ala Gly His Pro Ala Val Pro Thr Lys Pro Val Gly Pro	
245 250 255	
tgg cag gat tgt gca gag gcc cgc cag gca ggc cat gaa cag agt gga	816
Trp Gln Asp Cys Ala Glu Ala Arg Gln Ala Gly His Glu Gln Ser Gly	
260 265 270	
gtg tat gaa ctg cga gtg ggc cgt cac gta gtg tca gta tgg tgt gag	864
Val Tyr Glu Leu Arg Val Gly Arg His Val Val Ser Val Trp Cys Glu	
275 280 285	
cag caa ctg gag ggt gga ggc tgg act gtg atc cag cgg agg caa gat	912
Gln Gln Leu Glu Gly Gly Gly Trp Thr Val Ile Gln Arg Arg Gln Asp	
290 295 300	

27

28

ggt tca gtc aac ttc ttc act acc tgg cag cac tat aag gcg ggc ttt 960
 Gly Ser Val Asn Phe Phe Thr Thr Trp Gln His Tyr Lys Ala Gly Phe
 305 310 315 320
 ggg cgg cca gac gga gaa tac tgg ctg ggc ctt gaa ccc gtg tat cag 1008
 Gly Arg Pro Asp Gly Glu Tyr Trp Leu Gly Leu Glu Pro Val Tyr Gln
 325 330 335
 ctg acc agc cgt ggg gac cat gag ctg ctg gtt ctc ctg gag gac tgg 1056
 Leu Thr Ser Arg Gly Asp His Glu Leu Leu Val Leu Leu Glu Asp Trp
 340 345 350
 ggg ggc cgt gga gca cgt gcc cac tat gat ggc ttc tcc ctg gaa ccc 1104
 Gly Gly Arg Gly Ala Arg Ala His Tyr Asp Gly Phe Ser Leu Glu Pro
 355 360 365
 gag agc gac cac tac cgc ctg cgg ctt ggc cag tac cat ggt gat gct 1152
 Glu Ser Asp His Tyr Arg Leu Arg Leu Gly Gln Tyr His Gly Asp Ala
 370 375 380
 gga gac tct ctt tcc tgg cac aat gac aag ccc ttc agc acc gtg gat 1200
 Gly Asp Ser Leu Ser Trp His Asn Asp Lys Pro Phe Ser Thr Val Asp
 385 390 395 400
 agg gac cga gac tcc tat tct ggt aac tgt gcc ctg tac cag cgg gga 1248
 Arg Asp Arg Asp Ser Tyr Ser Gly Asn Cys Ala Leu Tyr Gln Arg Gly
 405 410 415
 ggc tgg tgg tac cat gcc tgt gcc cac tcc aac ctc aac ggt gtg tgg 1296
 Gly Trp Trp Tyr His Ala Cys Ala His Ser Asn Leu Asn Gly Val Trp
 420 425 430
 cac cac ggc ggc cac tac cga agc cgc tac cag gat ggt gtc tac tgg 1344
 His His Gly Gly His Tyr Arg Ser Arg Tyr Gln Asp Gly Val Tyr Trp
 435 440 445
 gct gag ttt cgt ggt ggg gca tat tct ctc agg aag gcc gcc atg ctc 1392
 Ala Glu Phe Arg Gly Gly Ala Tyr Ser Leu Arg Lys Ala Ala Met Leu
 450 455 460
 att cgg ccc ctg aag ctg tga 1413
 Ile Arg Pro Leu Lys Leu
 465 470
 <210> 8
 <211> 470
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 8
 Met Gly Lys Pro Trp Leu Arg Ala Leu Gln Leu Leu Leu Leu Gly
 1 5 10 15
 Ala Ser Trp Ala Arg Ala Gly Ala Pro Arg Cys Thr Tyr Thr Phe Val
 20 25 30
 Leu Pro Pro Gln Lys Phe Thr Gly Ala Val Cys Trp Ser Gly Pro Ala
 35 40 45
 Ser Thr Arg Ala Thr Pro Glu Ala Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ala Ala
 50 55 60
 Leu Arg Met Arg Val Gly Arg His Glu Glu Leu Leu Arg Glu Leu Gln
 65 70 75 80

Arg	Leu	Ala	Ala	Asp	Gly	Ala	Val	Ala	Gly	Glu	Val	Arg	Ala	Leu	
85								90				95			
Arg	Lys	Glu	Ser	Arg	Gly	Leu	Ser	Ala	Arg	Leu	Gly	Gln	Leu	Arg	Ala
100								105				110			
Gln	Leu	Gln	His	Glu	Ala	Gly	Pro	Gly	Ala	Gly	Pro	Gly	Ala	Asp	Leu
115								120				125			
Gly	Ala	Glu	Pro	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu	Gly	Glu	Arg	Val	Leu
130								135				140			
Asn	Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Arg	Ala	Ala	Ala	Arg	Phe	His	Gln	Leu
145								150				155			
Asp	Val	Lys	Phe	Arg	Glu	Leu	Ala	Gln	Leu	Val	Thr	Gln	Gln	Ser	Ser
165								170				175			
Leu	Ile	Ala	Arg	Leu	Glu	Arg	Leu	Cys	Pro	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Gln
180								185				190			
Gln	Gln	Val	Leu	Pro	Pro	Pro	Pro	Leu	Val	Pro	Val	Val	Pro	Val	Arg
195								200				205			
Leu	Val	Gly	Ser	Thr	Ser	Asp	Thr	Ser	Arg	Met	Leu	Asp	Pro	Ala	Pro
210								215				220			
Glu	Pro	Gln	Arg	Asp	Gln	Thr	Gln	Arg	Gln	Gln	Glu	Pro	Met	Ala	Ser
225								230				235			
Pro	Met	Pro	Ala	Gly	His	Pro	Ala	Val	Pro	Thr	Lys	Pro	Val	Gly	Pro
245								250				255			
Trp	Gln	Asp	Cys	Ala	Glu	Ala	Arg	Gln	Ala	Gly	His	Glu	Gln	Ser	Gly
260								265				270			
Val	Tyr	Glu	Leu	Arg	Val	Gly	Arg	His	Val	Val	Ser	Val	Trp	Cys	Glu
275								280				285			
Gln	Gln	Leu	Glu	Gly	Gly	Gly	Trp	Thr	Val	Ile	Gln	Arg	Arg	Gln	Asp
290								295				300			
Gly	Ser	Val	Asn	Phe	Phe	Thr	Thr	Trp	Gln	His	Tyr	Lys	Ala	Gly	Phe
305								310				315			
Gly	Arg	Pro	Asp	Gly	Glu	Tyr	Trp	Leu	Gly	Leu	Glu	Pro	Val	Tyr	Gln
325								330				335			
Leu	Thr	Ser	Arg	Gly	Asp	His	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Glu	Asp	Trp
340								345				350			
Gly	Gly	Arg	Gly	Ala	Arg	Ala	His	Tyr	Asp	Gly	Phe	Ser	Leu	Glu	Pro
355								360				365			
Glu	Ser	Asp	His	Tyr	Arg	Leu	Arg	Leu	Gly	Gln	Tyr	His	Gly	Asp	Ala
370								375				380			
Gly	Asp	Ser	Leu	Ser	Trp	His	Asn	Asp	Lys	Pro	Phe	Ser	Thr	Val	Asp
385								390				395			
Arg	Asp	Arg	Asp	Ser	Tyr	Ser	Gly	Asn	Cys	Ala	Leu	Tyr	Gln	Arg	Gly
405								410				415			
Gly	Trp	Trp	Tyr	His	Ala	Cys	Ala	His	Ser	Asn	Leu	Asn	Gly	Val	Trp
420								425				430			
His	His	Gly	Gly	His	Tyr	Arg	Ser	Arg	Tyr	Gln	Asp	Gly	Val	Tyr	Trp
435								440				445			
Ala	Glu	Phe	Arg	Gly	Gly	Ala	Tyr	Ser	Leu	Arg	Lys	Ala	Ala	Met	Leu
450								455				460			
Ile	Arg	Pro	Leu	Lys	Leu										

465

470

【図面の簡単な説明】

【図1】「410」のアミノ酸配列(493アミノ酸)(上段)とヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「410」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列と、28.7%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"680"であった。

【図2】「410」のアミノ酸配列(493アミノ酸)(上段)とヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「410」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列と、28.2%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"662"であった。

【図3】「NEW」のアミノ酸配列(470アミノ酸)(上段)とヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「NEW」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列と、28.8%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"580"であった。

【図4】「NEW」のアミノ酸配列(470アミノ酸)(上段)とヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「NEW」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列と、27.2%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"578"であった。

【図5】「410」のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(上段)とヒトアンギオポエチン-1のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「410」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列と、41.0%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"530"であった。

【図6】「410」のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(上段)とヒトアンギオポエチン-2のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「410」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列と、41.2%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"536"であった。

【図7】「NEW」のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(上段)とヒトアンギオポエチン-1のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「NEW」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-1のアミノ酸配列と、42.9%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"531"であった。

【図8】「NEW」のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(上段)とヒトアンギオポエチン-2のフィブリノーゲンドメインのアミノ酸配列(下段)とのアラインメントを示す図である。「NEW」のアミノ酸配列が、ヒトアンギオポエチン-2のアミノ酸配列と、41.8%の相同性を示した。この時のグローバルアラインメントスコア(Global alignment score)は"507"であった。

【図1】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

"410" (493 aa) vs. Human angiopoietin-1 (498 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
28.7% identity; Global alignment score: 680

```

      10      20      30      40      50      60
410  MRPLCVTCWLGLLAAMGAVAGQEDGFEGTEEGSPREFIYLNRYKRAGESQDKCTYTFIV
Ang1  MTVFLSFAFLAAIILTHIGC-SNQRR---SPENSGR-----RYNRIQHGGQ--CAYTFIL
      10      20      30      40
      70      80      90
410  PQ-----QRTVGAIQVNSK--EP-----EVLLENRVHKQELELLNELL
Ang1  PEHDGNCRESTTDQYNTNALQRDAPHVEPDFSSQKLQHLHEVMEN--YTQWLQKLENYIV
      50      60      70      80      90     100
      100     110     120     130     140
410  KQ-KRQIETLQQ-----LVEVDGGIVSEVKLLRKESRMNSRVTLQYMLLHEIIR
Ang1  ENMKSEMAQIQQNAVQNHTATMLEIGTSLLSQTAEQTRKLTDTVETQVLNQTSRLIEIQ
      110     120     130     140     150     160
      150     160     170     180     190     200
410  KRDNALSQLENRILNQADMLQLASKYKDLEHKYQHLATLAHNQSEIIAQLEEHQCRV
Ang1  LLENSLSTYKLEKQLLQQTNEILKIHEKNSLLEHKILEMEGKHKEELDTLKEEKENLQGL
      170     180     190     200     210     220
      210     220     230     240     250     260
410  PSARP-VPQPPPAAPRVYQPPTYNRIINQISTNEIQSDQNLKVLPPPLPTMTLTSPLS
Ang1  VTRQTYIIQ---ELEKQLNRATTNNSVLQKQLELMDTVHNLVNLCTKEGVL-----LKG
      230     240     250     260     270
      270     280     290     300     310     320
410  STDKPSGPWRDCLQALEDGHTSSIIYLVKPENTNRLMQVWCDQRHDPGGWTVIQRRLDGS
Ang1  GKREEEKPFRCADVYQAGFNKSGIYTIYINNMPKPKVFCNMDVNGGGWTVIQHRDGS
      280     290     300     310     320     330
      330     340     350     360     370     380
410  VNFFRNWETYKQGFNIDGEYWLGLENIYWLTNQGNKLLVTMEDWSGRKVFAYEYASFRL
Ang1  LDFQRGWKEYKMGFGNPSGEYWLGNFIFAITSQRQYMLRIELMDWEGNRAYSQYDRFHI
      340     350     360     370     380     390
      390     400     410     420     430     440
410  EPESEYYKLRLGRYHGNAG--DSFTWHNGKQFTTLDRDHDVYTGNCAYQKGGWYNACA
Ang1  GNEKQNYRLYLKGHTGTAGKQSSILH-GADFSTKDADNDNCMKCALMLTGGWFDACG
      400     410     420     430     440     450
      450     460     470     480     490
410  HSNLNGVWYRGGHYRSRYQDGVYWAEFRGGSYSLKVVMMIRPNPNTFH
Ang1  PSNLNGMFYTAGQNHGKL-NGIKWHYFKGPSYSLSRSTTMMIRPLD---F
      460     470     480     490

```

【図2】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

"410" (493 aa) vs. Human angiopoietin-2 (496 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
28.2% identity; Global alignment score: 662

```

      10      20      30      40      50
410  MRPLCVTCWWLGL--LAAMGAVAGQEDGFEGTEEGSPREFIYLNRYKRAGESQDKCTYTF
Ang2  M-----WQIVFFTLSCDLVLAAYNNFRKSMDSIGK-----KQYQVQHGSCTYTF
      10      20      30      40

      60      70      80      90
410  IVPQQ---RVTGAICV-NSKEPEVLLENRVHVKQELELLNN-----ELLK-----
Ang2  LLPENDNCRSSSSPYVSNVQRDAPLEYDDSVQRLQVLENIMENNTQWLMKLENYIQDNM
      50      60      70      80      90     100

     100     110     120     130     140     150
410  QKRQIETLQQLVEVDGGIVSEVKL-LRKESRMNSRVLTQYMQLLHEIIRKR---DNAL
Ang2  KKEMVEIQNAVQNQTAVMIEIGTNLLNQTAEQTRKLTQVEAQLNQTTRELEQLLEHSL
      110     120     130     140     150     160

     160     170     180     190     200     210
410  ELSQLENRILNQADMLQLASKYKDLEHKYQHLATLAHQSEIIAQLEEHQQRVPSARPV
Ang2  STNKLEKQILDQTSEINKLQDKNSFLEKK-----VLAMEDKHII-QL----QSIKEEKDQ
      170     180     190     200     210

     220     230     240     250     260
410  PQPPPAAPPRVYQPPTYNRIINQISTNEIQSDQN--LKVLPPLPTMPTLTSL--PSSTD
Ang2  LQVLVSKQNSIIEELEKKIVTATVNNSVLQKQHQHLMETVNNLLTMMSTNSAKOPTVAK
      220     230     240     250     260     270

     270     280     290     300     310     320
410  KPSGPWRDCLQALEDGHDTSSIYLVKPENTNRLMQVWCDQRHDPGGWTVIQRRLDGSVNF
Ang2  EEQISFRDCAEVFKSGHTTNGIYTLTFPNSTEEIKAYCDMEAGGGGTIIQRREDGSVDF
      280     290     300     310     320     330

     330     340     350     360     370     380
410  FRNWETKQGFNGIDGEYWLGLNIYWLTNQGNKLLVTMEDWSGRKVFAEYASFRLEPE
Ang2  QRTWKEYKVGFNGPSGEYWLGNFVSQLTNQQRVYVKIHLKDWEGNEAYSLEYHFLYSSE
      340     350     360     370     380     390

     390     400     410     420     430     440
410  SEYYKLRLGRYHGNAGD-SFTWHNGKQFTTLDRDHVYTGNCAYQKGGWYNACAHSNL
Ang2  ELNYRIHLKGLTGTAGKISSISQPGNDFSTKGDNDKCICKCSQMLTGGWWFDACGPSNL
      400     410     420     430     440     450

     450     460     470     480     490
410  NGVWYRGGHYRSRYQDGVYWAEFRGGSYSLLKKVVMIRPNPTFH
Ang2  NGMYYPQRQNTNKF-NGIKWYYWKSGYSLLKATTMMIRPAD---F
      460     470     480     490

```

【図3】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

"NEW" (470 aa) vs. Human angiopoietin-1 (498 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
28.8% identity; Global alignment score: 580

```

      10      20      30      40
NEW  MGKPWLRAL--QLLLLLGAS-----WARAGAPRCTYTFVLPQKFTGAVCWSG
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  MTVFLSFAFLAAILTHIGCSNORRSPENSRRYNRIHQGCAYTFILPEH---DGNC---
      10      20      30      40      50

      50      60      70      80      90     100
NEW  PASTRATPEANASELAALRMVRGRHEELLRELQRLAADGAVAGEVRALRKESRGLSAR
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  ---RESTTDQYNTNAL---QRDAPHVEPDFSSQKLQHLHVMENTYQWLQKLENYIVEN
      60      70      80      90     100

      110     120     130     140     150     160
NEW  LGQLRAQLQHEAGPG-AGPGADLGAEPAAALALLGERVLNASAEQRAAARFH-QL---D
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  MKSEMAIQQNAVQNHTATMLEIGTSLLSQTAEQTRKLTQVETQVLNQTSRLEIQLLENS
      110     120     130     140     150     160

      170     180     190     200
NEW  VKFRELAQLVTQSSLIAR-----LERLCPGGAGGQQQLPP-----PPLVPVVPVRL
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  LSTYKLEKQLLQQTNEILKIHEKNSLLEHKILEMEGKHKEELDTLKEEKENLQGLV-TRQ
      170     180     190     200     210     220

      210     220     230     240     250
NEW  VGSTSDTSRMLDPAPEPQRDQTRQEQPMASPMAGHPAVP--TKP---VG-----P
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  TYIIQELEKQLNRATT--NNSVLQKQLEL---MDTVHNLVNLCTKEGVLLKGGKREEEK
      230     240     250     260     270     280

      260     270     280     290     300     310
NEW  WQDCAEARQAGHEQSGVYELRVGR--HVVSVMCEQQLGGGWTVIQRQDGSYNFFTTWQ
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  FRDCADVYQAGFNKSGIYTIYINNMPKPVFCNMDVNGGGWTVIQHREDGSLDFQRGWK
      290     300     310     320     330     340

      320     330     340     350     360     370
NEW  HYKAGFGRPDGEYWLGLEPVYQLTSRGDHELLVLEDWGGRGARAHYDGFSLPESDHYR
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  EYKMGFGNPSGEYWLGNFIFAITSQRQYMLRIELMDWEGNRAYSQYDRFHIGNEKQNYR
      350     360     370     380     390     400

      380     390     400     410     420     430
NEW  LRLGQYHGDAG--DSLWHNDKPFSTVDRDRSYSNCALYQRGGWYHACAHSNLNGVW
      :      :      :      :      :      :      :      :      :
Ang1  LYLKGTGTAGKQSSLILHG-ADFSTKDADNDNCMCKCALMLTGGWFFDACGPSNLNGMF
      410     420     430     440     450     460

      440     450     460     470
NEW  HHGGHYRSRYQDGVYWAEFRGGAYSLRKAAMLIRPLKL
      :      :      :      :
Ang1  YTAGQNHGKL-NGIKWHYFKGPSYSLRSTTMMIRPLDF
      470     480     490

```

【図4】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

"NEW" (470 aa) vs. Human angiopoietin-2 (496 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
27.2% identity; Global alignment score: 578

```

      10      20      30      40
NEW  MGKPWLRALQLLLLLGASWAR-----AGAPR-----CTYTFVLPPQK--FTGAVCW
Ang2  MWQIVFFTLSCDLVLAAAYNNFRKSMDSIGKKQYQVQHSGCSYTFLLPEMDNCRSSSSPY
      10      20      30      40      50      60

      50      60      70      80      90     100
NEW  SGPASTRATPEANAS--ELAALRMVRGRHEELLRELQLAAADGAVAGEVRALRKESRG
Ang2  VSNVQRDAPLEYDDSVQRLQVLENIMENNTQWLMKLENIYQ-DNMKKEMVEIQQNAVQN
      70      80      90     100     110

      110     120     130     140     150
NEW  LSARLGQLRAQLQHEAGPGAGPGADLGAE-----PAAALALLGERVLNASAEQ--RAAA
Ang2  QTAVMIEIGTNLLNQTAEQTRKLTQVEAQVLNQTTRELLQLLEHSLSTNKLEKQILDQTS
     120     130     140     150     160     170

      160     170     180     190     200     210
NEW  RFHQLDVKFRELAQLV-TQSSLIARLERLCPGGAGGQQQLPPPLVPVVPVRLVGSTS
Ang2  EINKLQDKNSFLEKKVLAMEDKHIIQLQSIKEEKDQLQVLVSKNSIIEELEKKIVTATV
     180     190     200     210     220     230

      220     230     240     250     260     270
NEW  DTSRMLDPAPEPQRDQTRQCEPMASPMAGHPAVPTKPVGPWQDCAEARQAGHEQSGVY
Ang2  NNS-VLQKQHDLMETVNNLLTMMSTSNSAKDPTVAKEEQISFRDCAEVFKSGHTTNGIY
     240     250     260     270     280     290

      280     290     300     310     320     330
NEW  ELRVGRHV--VSWCEQQLGGGWTVIQRRQDGSVNFFTTWQHYKAGFGRPDGEYWLGLE
Ang2  TLTFPNSTEEIKAYCDMEAGGGWTIIQRREDGSVDFQRTWKEYKVGFGNPSGEYWLGNL
     300     310     320     330     340     350

      340     350     360     370     380     390
NEW  PVYQLTSRGDHELLVLLLEDWGGRGARAHDGFSLEPESDHYRLRLGQYHGDAG--DSLW
Ang2  FVSQLTNQQRVYVKIHLKDWEGNEAYSLEYHFYLSSEELNYRIHLKGLTGTAGKISSISQ
     360     370     380     390     400     410

      400     410     420     430     440     450
NEW  HNDKPFSTVDRDRDSYSGNCALYQRGGWYHACAHSNLNGVWHHGGHYRSRYQDGVYWAE
Ang2  PGND-FSTKDGNDKCKICKSQMLTGGWVFDACGPSNLNGMYYPQRQNTNKF-NGIKWYY
     420     430     440     450     460     470

      460     470
NEW  FRGGAYSLRKAAMLIRPLKL
Ang2  WKGSGYSLKATTMMIRPADF
     480     490

```

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

"410" (186 aa) vs. Human angiotensin-1 (187 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
41.0% identity; Global alignment score: 530

```

      10          20          30          40          50          60
410 WRDCLQALEDGHDTSSIYLVPKPENTNRLMQVWCDQRHDPGGWTVIQRRLDGSVNFFRNWE
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      10          20          30          40          50          60
      FRDCADVYQAGFNKSGIYTYIYNMPEPKKVFCNMNVNGGWTVIQHREDGSLDFGRGWK
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      70          80          90          100         110         120
410 TYKQGFGNIDGEYWLGLENIYWLTNQGNKYLLVTMEDWSGRKVF AEYASFRLEPESEYYK
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      70          80          90          100         110         120
      EYKMFGGNPSGEYWLGNEFI FAITSQRQYMLRIELMDWEGNRAYSQYDRFHIGNEKQNYR
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      130         140         150         160         170
410 LRLGRYHG NAG--DSFTWHNGKQFTTLD RDHDVYTGNCAHYQKG GWWYNACAHSNLNGVW
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      130         140         150         160         170
      LYLK GHTGTAGKQSSLILH-GADFSTK DADNDNCMKCALMTGGWWFDACGPSNLNGMF
Ang1 :.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:.:
      180
410 YRGGHYRS
Ang1 :.:.:.:
      YTAGQN HG
Ang1 :.:
180

```


【図6】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

fibrinogen domain:

"410" (186 aa) vs. Human angiotensin-2 (187 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
41.2% identity; Global alignment score: 536

		10	20	30	40	50	60
410		WRDCLQAL	EDGHD	TSSIYLV	KPENTN	RLMQVW	CDQRHDP
		GGWTVI	QRRLDG	SVNFFR	NWE		
Ang2		FRDCAEV	FKSGHT	TNGIY	TLTFP	NSTEEI	KAYCDME
		AGGGGW	TIQRRE	DGSD	FQRTWK		
		10	20	30	40	50	60
		70	80	90	100	110	120
410		TYKQGF	GNIDGE	YWLGL	ENIYWL	TNQGN	YKLLVT
		MEW	SGRKV	FAEY	ASFR	LEPE	SEYYK
Ang2		EYKVG	FGNPS	GEYWL	GNFV	SQLTN	QQRYVL
		KIHL	KDWEG	NEAY	SLYEH	FYLS	SEELNYR
		70	80	90	100	110	120
		130	140	150	160	170	
410		LRLGRY	HGNAGD	-SFTW	HNGKQ	FTTLD	RDH
		VYTG	NCAHY	QKGG	WYNAC	AHSN	LNGVWY
Ang2		IHLK	GLTG	TAGK	ISSIS	QPGN	DFSTK
		DNDK	CICK	CSQML	TGGW	WFDAC	GPSNL
		NGMY					
		130	140	150	160	170	180
	180						
410		RG	GH	YR	S		
Ang2		PQ	RQ	NT	N		

【図7】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

fibrinogen domain:

"NEW" (185 aa) vs. Human angiopoietin-1 (187 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
42.9% identity; Global alignment score: 531

		10	20	30	40	50	
NEW		WQDCAEARQAGHEQSGVYELRVGR--HVVS	VWCEQQLEGGGWTVIQRRQDGSVNFFTTWQ				
Ang1		FRDCADVYQAGFNKSGIYTIYINNMP	EPKKVFCNMDVNGGGWTVIQHREDGSLDFQRGWK				
		10	20	30	40	50	60
	60	70	80	90	100	110	
NEW		HYKAGFGRPDGEYWLGLEPVYQLTSRGDHELLV	LLEDWGGRGARAHYDGFSLPEPSDHYR				
Ang1		EYKMGFGNPSGEYWLGNFIFAITSQRQYMLRIEL	MDWEGNRAYSQYDRFHIGNEKQNYR				
		70	80	90	100	110	120
	120	130	140	150	160	170	
NEW		LRLGQYHGDAG--DSL	SWHNDKPFSTVDRDRDSYSGNCALYQ	RGGWYHACAHSNLNGVW			
Ang1		LYLKGTGTAGQSSLILHG-ADFSTKDADNDNC	MCKCALMLTGGWWFDACGPSNLNGMF				
		130	140	150	160	170	
	180						
NEW		HHGGHYRSR					
Ang1		YTAGQNHG-					
	180						

【図8】

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
version 2.0u Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)

fibrinogen domain:

"NEW" (185 aa) vs. Human angiotensin-2 (187 aa)

scoring matrix: BLOSUM50, gap penalties: -12/-2
41.8% identity; Global alignment score: 507

```

      10      20      30      40      50
NEW  WQDCAEARQAGHEQSGVYELRVGRHV--VSVWCEQQLEGGGWTVIQRRQDGSVNFFTTWQ
      .....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
Ang2  FRDCAEVFKSGHTTNGIYTLTFPNSTEEIKAYCDMEAGGGGWTIIQRREDGSVDFQRTWK
      10      20      30      40      50      60

      60      70      80      90      100     110
NEW  HYKAGFGRPDGEYWLGLEPVYQLTSRGDHELLVLEDWGGRGARAHYDGFSLPEPSDHYR
      .....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
Ang2  EYKVGFGNPSGEYWLGNFVSQLTNQQRVYVKIHLKDWEAGNEAYSLYEHFYLSEELNYR
      70      80      90      100     110     120

      120     130     140     150     160     170
NEW  LRLGQYHGDAG--DSLWHNDKPFSTVDRDRDSYSGNCALYQGGWYHACAHSNLNGWV
      .....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:.....:
Ang2  IHLKGLTGTAGKISSISQPGND-FSTKGDNDKCICKCSQMLTGGWWFDACGPSNLNGMY
      130     140     150     160     170

      180
NEW  HHGGHYRSR
Ang2  YPQ-RQNTN
      180

```

フロントページの続き

(51) Int. Cl. ⁷	識別記号	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 N	1/19	C 1 2 N	4 C 0 8 5
	1/21		4 H 0 4 5
	5/10	C 1 2 P	C
C 1 2 P	21/02	C 1 2 Q	
C 1 2 Q	1/02		A
	1/68	A 6 1 K	6 0 9 F
// A 6 1 P	9/10		6 2 7 A
	27/02		6 2 9 A
	29/00		6 3 5
	35/00	39/395	D
A 6 1 K	38/00		N
	39/395	48/00	
		C 1 2 N	A
	48/00	A 6 1 K	37/02

(72)発明者 太田 紀夫
神奈川県藤沢市辻堂新町 1 - 2 - 8 - 701

F ターム(参考) 4B024 BA21 BA80 CA04 CA20 DA01
DA02 DA05 DA11 EA04 GA11
4B063 QA01 QA05 QQ08 QR32 QR35
QR40 QR48 QR55 QR62 QS34
4B064 AG01 AG02 CA01 CA19 CC01
CC24 DA01 DA13
4B065 AA01X AA57X AA88X AA90X
AA93Y AB01 AC14 BA02
CA24 CA44 CA46
4C084 AA06 AA07 AA13 AA17 BA01
BA22 BA44 DA39 DB57 ZA262
ZA362
4C085 AA13 AA14 BB07 DD63 DD88
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 CA40
DA01 DA75 EA20 EA50 FA74